Revue suisse Zool.	Tome 85	Fasc. 3	p. 625-634	Genève, septembre 1978

Koexistenz von zwei cytologisch verschiedenen Populationen der Zuckmücke *Chironomus plumosus* im Murtensee. [1) 2)]

von

E. BÜRKI, R. ROTHEN und A. SCHOLL

Mit 4 Abbildungen

Abstract

Coexistence of two cytologically different populations of Chironomus plumosus in the Lake of Murten. — Populations of *Chironomus plumosus* from three different localities in Switzerland were analysed as to their chromosomal polymorphism, scored from larval salivary gland giant chromosomes. In one locality (Lake of Murten), a very clear distinction was observed between shorebound (1-2 m) and bottom-dwelling (10-30 m) populations, as to association of inversions within and between chromosomes. The question is considered, whether the two samples represent different taxonomic entities (species ?).

Einleitung

Die Zuckmücke *Chironomus plumosus* ist in Europa weitverbreitet und in den verschiedensten Gewässern häufig anzutreffen. In ihrer Erscheinungsform ist sie sehr variabel. Dies hat mehrere Autoren zu der Vermutung veranlasst, *Ch. plumosus* könne ein Artenkomplex sein.

In seiner Revision der Gattung *Chironomus* bearbeitete Strenzke (1959) *Ch. plumosus*-Populationen aus dem Grossen Plöner See und aus einem Weidetümpel bei Dangast in Norddeutschland. Die Tiere der beiden Fundorte unterschieden sich auffallend in einigen morphologischen Merkmalen. Da sie zudem sehr unterschiedliche Habi-

[1] Diese Arbeit wurde mit der Unterstützung des Schweizerischen Nationalfonds zur Förderung der wissenschaftlichen Forschung durchgeführt (Gesuche 3.126.73 und 3.027.76).

[2] Wir danken Frau V. Siegfried, die uns die Chromosomenpräparate hergestellt hat, und Herrn Prof. Dr. W. Wülker/Freiburg i. Br., der uns in cytotaxonomischen Fragen beraten und zur Diskussion der Befunde beigetragen hat.

tate besiedeln, vermutete Strenzke, es könne sich hier mindestens um Vertreter zweier verschiedener Unterarten handeln. PALMÉN & AHO (1966), die eine Brackwasserpopulation aus Südfinnland bearbeiteten, stellten fest, dass ihr Material in den morphometrischen Daten gute Übereinstimmung zeigte mit Strenzkes Population aus dem Grossen Plöner See. Sie wiesen jedoch auf eine grosse Variationsbreite einzelner Merkmale hin. Angesichts der ökologischen Unterschiede zwischen ihrem und Strenzkes Fundort räumten sie die Möglichkeit von Geschwisterarten ein und hielten eine Überprüfung des Materials unter Anwendung cytotaxonomischer Unterscheidungsmerkmale, die inzwischen von KEYL & KEYL (1959) eingeführt worden waren, für wünschbar.

KEYL & KEYL (1959), die in Zusammenarbeit mit Strenzke die Gattung *Chironomus* einer Revision unterzogen, benutzten zur Artabgrenzung und -unterscheidung Strukturmerkmale der Riesenchromosomen aus Speicheldrüsen der Larven. KEYL (1962) wies bereits auf cytologische Unterschiede zwischen der Tümpel- und Seeform von *Ch. plumosus* hin und stellte fest, dass der Chromosomenarm A bei der in Norddeutschland verbreiteten Tümpelform strukturmonomorph ist, bei Larven aus verschiedenen Seen Nord- und Süddeutschlands fand er jedoch Inversionspolymorphismus. KRIEGER-WOLFF & WÜLKER (1971) griffen diese Befunde auf und verglichen den Strukturpolymorphismus in fünf Chromosomenarmen bei Larven aus einer Flachwasserpopulation aus der Umgebung von Baden-Baden und einer Seepopulation aus grösseren Tiefen des Bodensees. Die Larvenproben dieser beiden Fundorte unterschieden sich auffallend in der Frequenz der Strukturvarianten in allen fünf Chromosomenarmen.

Nach den bisher vorliegenden Befunden könnte man vermuten, dass *Ch. plumosus* ein Komplex cytologisch unterscheidbarer Arten ist, die sich auch in ihren ökologischen Ansprüchen unterscheiden. Während eine Art Kleingewässer und möglicherweise die flache Uferregion der Seen bevorzugt, ist eine zweite Art eher in grösseren Wassertiefen der Seen vertreten.

Man muss jedoch auch in Betracht ziehen, dass bisher nur wenige und zudem geographisch weit getrennte Populationen cytologisch untersucht wurden. Die beobachteten Unterschiede könnten im Variationsbereich geographisch separierter Populationen liegen und zufällig eine grössere Übereinstimmung zwischen Flachwasserpopulationen einerseits und Profundalpopulationen andererseits ergeben haben. Um dies abzuklären, schien es uns wünschbar, die cytologischen Untersuchungen auf weitere Populationen auszudehnen und insbesondere ein Untersuchungsgebiet einzubeziehen, in dem die Flachwasserart und die Profundalart, falls es sie wirklich gibt, sympatrisch vorkommen könnten.

MATERIAL, METHODEN UND TERMINOLOGIE

Das Tiermaterial für unsere Untersuchungen, Larven des 4. Stadiums und Vorpuppen, wurde während der Monate November 1976-März 1977 an den Fundorten eingesammelt, die in Tabelle 1 erwähnt sind.

Die cytologischen Untersuchungsergebnisse basieren auf der Analyse von Riesenchromosomen aus Speicheldrüsen. Die aus den Schlammproben ausgewaschenen Larven wurden bis zur Herstellung der Präparate ihrer Speicheldrüsen-Chromosomen (nach ROSIN & FISCHER 1965) während höchstens 4 Tagen bei ca. 5°C. unter Belüftung in Wasser vom jeweiligen Fundort gehältert. Die Artdiagnose stützt sich auf cytotaxonomische Unterscheidungskriterien nach KEYL & KEYL (1959), sowie KEYL (1962).

Der haploide Chromosomensatz von *Ch. plumosus* weist drei grössere mediozentrische und ein kleines telozentrisches Chromosom auf. Die Chromosomenarme werden

TABELLE 1. Fundorte des Untersuchungsmaterials.

Fundort	Koordinaten	Wassertiefe	Anzahl Tiere
Wohlensee bei Hofen	592.600/201.380	2— 3 m	66
Genfersee Bootshafen St. Sulpice	532.875/151.500	1— 2 m	313
Murtensee Bootshafen Murten	575.425/197.725	1— 2 m	55
Murtensee ca. 250 m vor Murten	575.375/198.150	10—30 m	195

mit den Buchstaben A bis G bezeichnet. In den mediozentrischen Chromosomen liegen die Armkombinationen AB, CD und EF vor, das telozentrische Chromosom wird als G-Chromosom bezeichnet (KEYL 1962). Die meisten Chromosomenarme sind strukturpolymorph, die einzelnen Strukturvarianten unterscheiden sich durch Inversionen. Die Strukturvarianten eines Chromosomenarmes werden mit arabischen Zahlen gekennzeichnet. Bei der Bezeichnung der zygotischen Kombinationen der Strukturvarianten werden zunächst die Chromosomenarme und dann die dort gefundenen Strukturvarianten genannt, z.B. AB 11 22 bedeutet: Das Tier wies im Chromosomenarm A die Strukturvariante 1 homozygot auf, im Arm B lag die Strukturvariante 2 homozygot vor.

In der Bezeichnung der Strukturvarianten folgen wir früheren Arbeiten aus unserem Institut (ROSIN & FISCHER 1965; FISCHER & ROSIN 1967; ROSIN & FISCHER 1968; und ROSIN, unveröffentlicht). Die Strukturvarianten A1, A2, F1 und F2 entsprechen den von KEYL (1962) abgebildeten und beschriebenen Strukturvarianten, wobei A1 und F1 mit den von Keyl beschriebenen Standardanordnungen identisch sind. Leider stimmen unsere Bezeichnungen für die Strukturvarianten des B- und D-Armes nicht überein mit KRIEGER-WOLFF & WÜLKER (1971). Wir möchten aus Gründen, die die Anschliessbarkeit dieser Veröffentlichung an frühere Arbeiten aus unserem Institut betreffen, die von Rosin benutzte Bezeichnungsweise hier beibehalten. Wir haben deshalb die Befunde von KRIEGER-WOLFF & WÜLKER (1971) in unserer Bezeichnungsweise in Tabelle 2 einbezogen.

Das G-Chromosom ist in der vorliegenden Arbeit nicht berücksichtigt. Es liegt meist ungepaart vor und Strukturvarianten sind äusserst schwierig zu erkennen.

BEFUNDE

In allen vier Larvenproben wird Inversionspolymorphismus festgestellt in den Chromosomenarmen A, B, C, D und F. In den fünf Chromosomenarmen werden jeweils zwei Strukturvarianten beobachtet, die in allen vier Proben auftreten. Jedoch unterscheiden sich die Larvenproben in den Häufigkeiten der zygotischen Kombinationen der

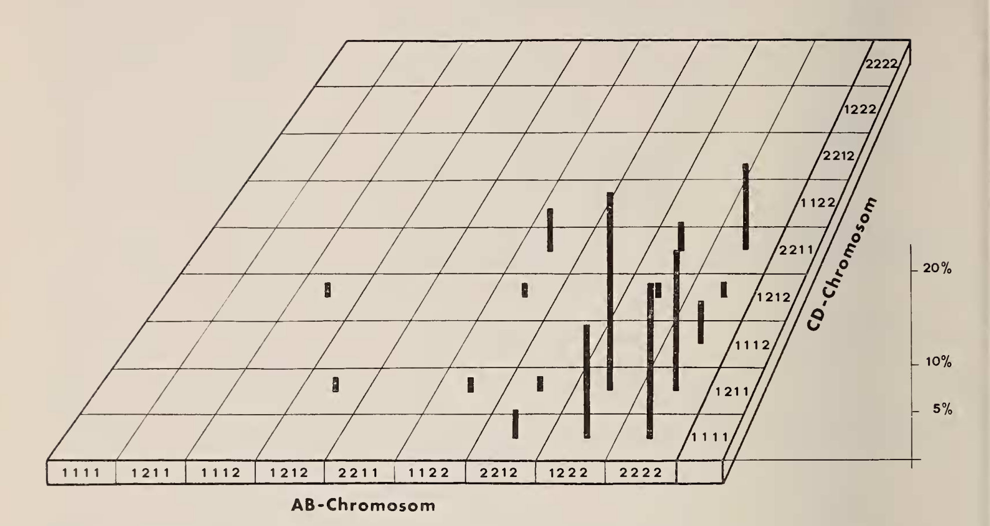


ABB. 1.

Relative Häufigkeiten der zygotischen Kombinationen der Strukturvarianten in der Population Wohlensee. Die relative Häufigkeit der gefundenen Kombinationen ist eingezeichnet in das Feld der 81 möglichen Kombinationen, die sich bilden lassen aus jeweils 2 Strukturvarianten in den Chromosomenarmen A, B, C und D

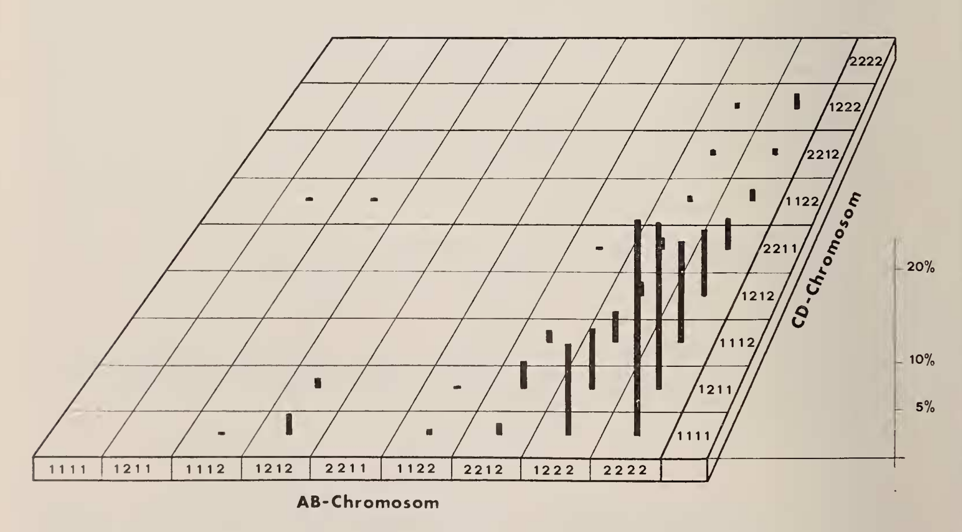


ABB. 2.

Relative Häufigkeiten der zygotischen Kombinationen der Strukturvarianten in der Population St.-Sulpice. Siehe auch Legende zu Abb. 1

Strukturvarianten. Die Verteilungsmuster sind in den Abbildungen 1 bis 4 dargestellt. Es wurden dort die relativen Häufigkeiten der beobachteten zygotischen Kombinationen der Strukturvarianten eingezeichnet in ein Feld der 81 möglichen Kombinationen, die sich bilden lassen aus je zwei Strukturvarianten in den Chromosomenarmen A, B, C und D. Das EF-Chromosom ist in diesen Abbildungen nicht berücksichtigt, weil der Chromosomenarm E strukturmonomorph ist und weil sich für die zygotischen Kombinationen der Strukturvarianten des F-Arms keine signifikanten Unterschiede zwischen den vier Larvenproben ergeben haben. Die Anordnung der möglichen Kombinationen ist in den Abbildungen 1 bis 4 identisch.

In der Population Wohlensee (Abb. 1) treten im Chromosomenarm A fast ausschliesslich die Typen 12 und 22 auf, im Chromosomenarm B wird fast ausschliesslich der Typ 22 beobachtet, im Arm D hingegen der Typ 11. In der in den Abbildungen gewählten Anordnung der zygotischen Kombinationen wird deshalb nur der rechte untere Teil des Diagramms besetzt.

Zwischen der Population Wohlensee und der Population St. Sulpice (Abb. 2) bestehen gute Übereinstimmungen, wie ein Vergleich der Diagramme erkennen lässt. Eine im Vergleich zur Abbildung 1 breitere Streuung der besetzten Felder ist in erster Linie auf die höhere Individuenzahl in dieser Stichprobe und auf das vermehrte Auftreten des Typs 12 im Chromosomenarm D zurückzuführen.

Ein stärker abweichendes Bild ergibt sich für die Population aus dem Bootshafen von Murten. Im Diagramm (Abb. 3) fällt vor allem auf, dass mehrere Felder auf der linken Seite, die bei den bisher besprochenen Populationen frei waren, mit beachtlichen Häufigkeiten besetzt sind. Dabei handelt es sich um Tiere, die in den Chromosomenarmen A und B meist die Strukturvarianten 1 und im Chromosomenarm C fast ausschliesslich die Strukturvariante 2 homozygot aufweisen. Falls es sich bei den Larven aus dem Bootshafen von Murten um Individuen einer panmiktischen Population handen würde, müssten auf Grund der Frequenzen von A1, B1 und C2 (Tabelle 2) solche zwei- oder dreifach homozygote Kombinationen nach Hardy-Weinberg viel seltener auftreten.

Auf der rechten Seite des Diagramms (Abb. 3) ergeben sich weitgehende Übereinstimmungen mit den Populationen Wohlensee (Abb. 1) und St. Sulpice (Abb. 2).

Ein völlig abweichendes Bild ergibt das Diagramm der Larvenprobe aus dem Profundal des Murtensees (Abb. 4). Hier sind einzelne Felder auf der linken oberen Seite mit höheren Häufigkeiten besetzt. Diese wenigen gehäuft vorkommenden zygotischen Kombinationen weisen im Chromosomenarm C nur die Strukturvariante 2 auf; die Chromosomenarme A und B sind meist homozygot für die Strukturvarianten A1 und B1. Die seltener vertretenen zygotischen Kombinationen konzentrieren sich auf die rechte untere Seite des Diagramms. Diese Tiere weisen chromosomal einen bemerkenswerten Gegenzatz zu den häufigeren Typen auf, indem bei ihnen die Kombinationen C11, A22 und B22 dominieren.

Aus den Häufigkeiten der zygotischen Kombinationen wurden die Frequenzen der Strukturvarianten berechnet, diese sind in Tabelle 2 zusammengestellt. Zum Vergleich haben wir die von KRIEGER-WOLFF & WÜLKER (1971) publizierten Daten für eine Tümpelpopulation aus der Umgebung von Baden-Baden und eine Profundalpopulation aus dem Bodensee mit einbezogen. Wir unterscheiden in Tabelle 2 zwei Gruppen: Gruppe I enthält die Larvenproben aus geringer Wassertiefe, Litoral der Seen und Tümpel, Gruppe II enthält die Larvenproben aus der Profundalregion des Murten- und Bodensees. Wir bezeichnen die Larvenproben im folgenden entsprechend der Wassertiefe am Fundort als Flachwasser- bzw. Profundalpopulationen.

Beim Vergleich der Frequenzen der Strukturvarianten in den verschiedenen Populationen fallen bemerkenswerte Gegensätze zwischen den Flachwasser- und Profundal-

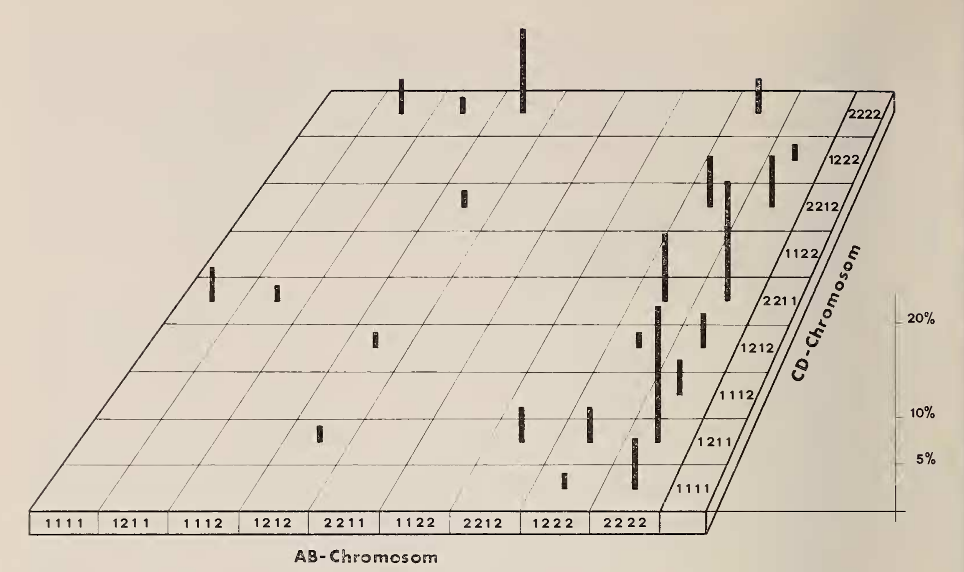


ABB. 3.

Relative Häufigkeiten der zygotischen Kombinationen der Strukturvarianten in Larvenproben vom Bootshafen Murten. Siehe auch Legende zu Abb. 1.

2222
1222
2212
1122
2211
1212
1112
1211
1111
CD-Chromosom
20%
10%
5%
1111 1211 1112 1212 2211 1122 2212 1222 2222
AB-Chromosom

ABB. 4.

Relative Häufigkeiten der zygotischen Kombinationen der Strukturvarianten in Larvenproben aus dem Profundal des Murtensees. Siehe auch Legende zu Abb. 1.

TABELLE 2. Vergleich der Frequenzen der Strukturvarianten in den Chromosomenarmen A, B, C, D und F bei Flachwasser- (Gruppe I) und Profundal-Populationen (Gruppe II) von *Ch. plumosus*.

1) Die Daten für die Populationen aus Baden-Baden und aus dem Bodensee stammen von KRIEGER-WOLFF und WÜLKER (1971). Siehe hierzu auch die Bemerkung im letzten Abschnitt des Methodenteils.

2) In dieser Population tritt in Arm A eine dritte Strukturvariante mit einer Frequenz von 0,03 auf.

Stichprobe	A1	A2	B1	B2	C1	C2	D1	D2	F1	F2
Gruppe I										
Wohlensee	0,29	0,71	0,04	0,96	0,60	0,40	0,95	0,05	0,93	0,07
St. Sulpice	0,15	0,85	0,05	0,95	0.74	0,26	0,83	0,17	0,99	0,01
Murten Hafen	0,27	0,73	0,19	0,81	0,27	0,73	0,68	0,32	0,94	0,06
Baden-Baden [1]	0,05	0,95	—	1,00	0,71	0,29	0,92	0,08	0,58	0,42
Gruppe II										
Murtensee [2]	0,81	0,16	0,75	0,25	0,09	0,91	0,53	0,47	0,98	0,02
Bodensee [1]	1,00	—	0,38	0,62	0,01	0,99	0,24	0,76	1,00	—

populationen auf. Im Chromosomenarm A dominiert in den Flachwasserpopulationen die Strukturvariante 2, in den Profundalpopulationen hingegen die Strukturvariante 1. Im Chromosomenarm B überwiegt wiederum bei den Flachwasserpopulationen die Strukturvariante 2. Die beiden Profundalpopulationen haben eine wesentlich niedrigere Frequenz dieser Strukturvariante gemeinsam. Im Chromosomenarm C dominiert die Strukturvariante 2 bei den Profundalpopulationen, bei den Flachwasserpopulationen ist die Frequenz dieser Strukturvariante wesentlich niedriger, in drei der vier Populationen dominiert die Strukturvariante 1. Auch im Chromosomenarm D wird bei den Flachwasserpopulationen die Strukturvariante 1 in hoher Frequenz gefunden, die Profundalpopulationen sind wiederum durch eine niedrigere Frequenz dieser Strukturvariante abgesetz. Es sei hier schon darauf hingewiesen, dass die Population des Bootshafens von Murten sich in den Frequenzen der einzelnen Strukturvarianten stärker vom Gruppenmittel unterscheidet, was zum Teil darauf beruhen dürfte, dass es sich hier um eine Mischpopulation handelt, wie wir nachstehend ausführen werden.

Eine statistische Überprüfung der Verteilungen der zygotischen Kombinationen der Strukturvarianten ergibt, dass die verschiedenen homo- und heterozygoten Kombinationen in den Chromosomen AB und CD in den Populationen Wohlensee und St. Sulpice homogen verteilt sind (Tabelle 3). Hingegen liegen in beiden Proben vom Murtensee im AB-Chromosom, in der Profundalprobe auch im CD-Chromosom, hochsignifikant inhomogene Verteilungen vor.

Besonders auffallend sind die Abweichungen im AB-Chromosom, wo in beiden Proben die Typen AB 1111 und AB 2222 gegenüber den Erwartungswerten stark übervertreten sind; fast alle anderen Kombinationsmöglichkeiten im AB-Chromosom liegen deutlich unter den Erwartungswerten.

TABELLE 3. Statistische Überprüfung der Verteilung der zygotischen Kombinationen der Strukturvarianten in den Chromosomen AB und CD.

Population	Chromosom AB	Chromosom CD
Wohlensee	$\chi^2_4 = 1{,}32$ $P = 0{,}85$	$\chi^2_4 = 1{,}57$ $P = 0{,}80$
St. Sulpice	$\chi^2_4 = 9{,}06$ $P = 0{,}06$	$\chi^2_4 = 2{,}55$ $P = 0{,}65$
Hafen Murten	$\chi^2_4 = 23{,}64$ $P < 0{,}01$	$\chi^2_4 = 7{,}28$ $P = 0{,}12$
Murtensee	$\chi_4 = 80{,}49$ $P < 0{,}01$	$\varkappa^2_4 = 13{,}39$ $P < 0{,}01$

DISKUSSION

Die Larven der Zuckmücke *Ch. plumosus* aus dem Murtensee lassen sich, wie vorstehend gezeigt wurde, zwei cytologisch unterscheidbaren Gruppen zuordnen. Die beiden Gruppen scheinen sich ökologisch zu unterscheiden, jedenfalls wird die eine bevorzugt in der Uferregion, die zweite bevorzugt in grösseren Wassertiefen gefunden. Zwischen diesen Gruppen könnte eine weitgehende Fortpflanzungsisolation bestehen, da sich in beiden Proben in der Verteilung der zygotischen Kombinationen hochsignifikante Abweichungen von der Zufallserwartung unter Annahme von Panmixie ergeben haben. Es ist deshalb denkbar, dass die beiden Gruppen verschiedenen Rassen oder Unterarten, wenn nicht sogar Arten angehören, von denen die eine die Litoralregion der Seen bevorzugt, während die andere ökologisch auf tiefere Regionen der Seen eingestellt ist. Die in der Einleitung angesprochene Vermutung anderer Autoren, *Ch. plumosus* könne ein Komplex mehrerer Arten sein, scheint damit gestützt zu werden. Diese Auffassung wird durch den cytologischen Vergleich verschiedener Flachwasser- und Profundalpopulationen begünstigt. Während ein Vergleich der Frequenzen der Strukturvarianten innerhalb beider Gruppen gute Übereinstimmung ergibt (Tabelle 2), bestehen zwischen den beiden Gruppen deutliche Gegensätze. Die Populationen von *Ch. plumosus* im Wohlensee und im Bootshafen St. Sulpice wurden seit mehreren Jahren von Rosin bearbeitet. Aus den unveröffentlichten Befunden ist hier von Interesse, dass der Inversionspolymorphismus in diesen Populationen stabil ist. Es haben sich auch im Verlauf eines Jahres nie nennenswerte Verschiebungen in den Frequenzen der Strukturvarianten ergeben.

Die Betrachtung der Tabelle 2 lässt jedoch auch Unterschiede zwischen Flachwasserpopulationen verschiedener Herkunft erkennen. Ausserdem sind auch die beiden Larvenproben aus grösseren Wassertiefen in den Frequenzen der Strukturvarianten etwas verschieden. Dies könnte in beiden Fällen darauf beruhen, dass mehr oder weniger gemischte Populationen untersucht wurden.

Die Larvenprobe aus dem Hafen von Murten beispielsweise weicht aber in der Frequenz der Strukturvarianten des Arms C von den anderen Flachwasserpopulationen derart stark ab, dass diese Diskrepanz nicht dadurch verursacht sein kann, dass hier

eine Mischpopulation vorlag. Ebenso bestehen zwischen den beiden Profundalpopulationen auffallende Differenzen in der Frequenz der beiden Strukturvarianten des Arms B. Man müsste deshalb annehmen, dass die Frequenzen der Strukturvarianten der „Flachwasserart" und der „Seeart" lokaler Variation unterliegen.

Wir haben kürzlich kleinere Larven-Stichproben aus dem Profundal des Thunersees und des Vierwaldstättersees untersucht. Die Häufigkeiten der zygotischen Kombinationen der Strukturvarianten weichen in beiden Fällen von den bisher besprochenen Daten stark ab. Insbesondere können die Larven nicht ohne weiteres der einen oder anderen der oben skizzierten Gruppen zugeordnet werden.

Es deutet sich damit bereits an, dass lokale Populationen der Zuckmücke *Ch. plumosus* stärkerer Variation bezüglich der Frequenzen der Strukturanordnungen unterliegen, als es nach den bisherigen Befunden (Tabelle 2) den Anschein hat, und es erscheint uns fraglich, ob die „Flachwasserart" und die „Profundalart", falls es sie tatsächlich gibt, über ihr ganzes Verbreitungsbebiet cytologisch unterscheidbar sind.

Wir haben weiterhin die Enzymelektrophorese in unsere Untersuchungen einbezogen. Während wir andere *Chironomus*-Arten durch Enzymelektrophorese unterscheiden können (ROTHEN *et al.* 1975), ergaben sich aus dem Enzymmuster der Flachwasser- und Profundalpopulation des Murtensees bisher keine eindeutigen Hinweise auf das Vorhandensein verschiedener Arten in unserem Untersuchungsmaterial.

ZUSAMMENFASSUNG

Die Larven der Zuckmücke *Chironomus plumosus* aus dem Murtensee lassen sich zwei cytologisch unterscheidbaren Gruppen zuordnen und zwar auf Grund der zygotischen Kombination bestimmter Strukturvarianten in mehreren Chromosomenarmen. Die eine Gruppe wird bevorzugt in der flachen Uferregion gefunden, die andere in grösseren Wassertiefen. Die Möglichkeit wird erwogen, dass die beiden Gruppen verschiedenen Arten repräsentieren.

LITERATUR

FISCHER, J. und S. ROSIN. 1967. Bastarde zwischen *Chironomus plumosus* L. und *Ch. nuditarsis* Str. *Arch. Julius Klaus-Stift. Vererb-Forsch.* 42: 30-42.

KEYL, H.-G. 1962. Chromosomenevolution bei *Chironomus*. II. Chromosomenumbauten und phylogenetische Beziehungen der Arten. *Chromosoma (Berl.)* 13: 464-514.

KEYL, H.-G. und I. KEYL. 1959. Die cytologische Diagnostik der Chironomiden. I. Bestimmungstabelle für die Gattung *Chironomus* auf Grund der Speicheldrüsen-Chromosomen. *Arch. Hydrobiol.* 56: 43-57.

KRIEGER-WOLFF, E. und W. WÜLKER. 1971. Chironomiden (Diptera) aus der Umgebung von Freiburg i.Br. (mit besonderer Berücksichtigung der Gattung *Chironomus*). *Beitr. naturk. Forsch. SüdwDtl.* 30: 133-145.

PALMEN, E. and L. AHO. 1966. Studies on the ecology and phenology of the Chironomidae (Dipt.) of the Northern Baltic. 2. *Camptochironomus* Kieff. and *Chironomus* Meig. *Annali Zool. Fenn.* 3: 217-244.

ROSIN, S. und J. FISCHER. 1965. Geschlechtsgekoppelte Inversionen bei *Chironomus nuditarsis* Str. *Arch. Julius Klaus-Stift.* 40: 26-35.

— 1968. Zum Selektionswert verschiedener chromosomaler Strukturtypen von *Chironomus nuditarsis* Str. *Arch. Julius Klaus-Stift. Vererb-Forsch.* 43: 31-40.

ROTHEN, R., A. SCHOLL und S. ROSIN. 1975. Artdiagnose durch Enzymelektrophorese bei *Chironomus. Revue suisse Zool.* 82: 699-704.

STRENZKE, K. 1959. Revision der Gattung *Chironomus* Meig. 1. Die Imagines von 15 norddeutschen Arten und Unterarten. *Arch. Hydrobiol.* 56: 1-42.

Anschrift der Verfasser:

Zoologisches Institut der Universität
Sahlistrasse 8
CH-3012 Bern
Schweiz